"نشریه علوم زراعی ایران"
جلد بیست و پنجم، شماره ۱، بهار ۱۴۰۲

مقاله پژوهشی

DOR: 20.1001.1.23223243.2021.19.1.29.0

ارزیابی تنوع ژنتیکی در لاین‌های نوترکیب نسل یازدهم و شناسایی لاین‌های امیدبخش برنج (*Oryza sativa* L.)

Assessment of genetic variation among F_{11} generation recombinant inbred lines and identification of rice (*Oryza sativa* L.) promising lines

وحید جوکارفرد[۱]، بابک ربیعی[۲] و ابراهیم سوری لکی[۳]

چکیده

جوکارفرد، و.، ب. ربیعی و ا. سوری لکی. ۱۴۰۲. ارزیابی تنوع ژنتیکی در لاین‌های نوترکیب نسل یازدهم و شناسایی لاین‌های امیدبخش برنج (*Oryza sativa* L.). **نشریه علوم زراعی ایران. ۲۵ (۱): ۷۰ -۵۵.**

برنج یکی از گیاهان زراعی راهبردی کشور است که افزایش عملکرد آن همواره به‌عنوان مهم‌ترین هدف اصلاحی مورد توجه به‌نژادگران بوده است. یکی از مهم‌ترین روش‌های اصلاحی در برنج، تلاقی بین ارقام برگزیده جهت تولید لاین‌های نوترکیب و شناسایی لاین‌های امیدبخش است. این آزمایش با هدف شناسایی لاین‌های برتر پرمحصول جهت معرفی ارقام جدید اجرا شد. لاین‌های مورد ارزیابی همراه با ارقام والدینی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در سال ۱۳۹۷ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان کشت شده و صفات مهم زراعی در ۱۴۱ لاین نوترکیب مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین لاین‌های مورد ارزیابی از نظر کلیه صفات مورد بررسی تفاوت معنی‌داری وجود داشت که نشان دهنده تنوع ژنتیکی قابل توجه در آنها بود. برآورد ضرایب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی و اجزای واریانس نیز نشان داد که تنوع قابل توجهی در جمعیت مورد مطالعه، به‌ویژه برای صفات تعداد دانه پر و پوک در خوشه، تعداد خوشه در بوته و عملکرد دانه وجود داشت. میزان وراثت‌پذیری خصوصی صفات نیز از حدود ۲۰ درصد در طول خوشه تا حدود ۴۳ درصد در عرض دانه، تعداد روز تا رسیدگی و وزن هزار دانه متغیر بود. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که سه عامل اصلی و مستقل در حدود ۹۶ درصد از تنوع کل لاین‌های مورد مطالعه را توجیه کرده و عامل ایجاد ارتباط معنی‌دار بین صفات در لاین‌های برنج بودند. این سه عامل به‌عنوان عامل عملکرد و اجزای آن، عامل کیفیت ظاهری دانه‌ها و عامل فنولوژیک نام‌گذاری شدند. تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA نیز ۱۴۱ لاین برنج را در سه گروه دسته‌بندی کرد و والدین سپیدرود و غریب به‌ترتیب در گروه‌های اول و دوم قرار گرفتند. بررسی ارزش گروه‌ها از نظر صفات نشان داد که گروه اول از نظر عملکرد و اجزای عملکرد و گروه سوم از نظر ابعاد و کیفیت ظاهری دانه‌ها بیش‌ترین مقدار را داشتند. نتایج این پژوهش نشان داد که تنوع ژنتیکی قابل توجهی بین لاین‌های برنج مورد ارزیابی وجود داشت و لاین‌های برتر پرمحصول و با کیفیت ظاهری مطلوب شناسایی شدند، بنابراین اصلاح موفقیت‌آمیز جمعیت برای بسیاری از صفات مهم زراعی، به‌ویژه عملکرد و اجزای آن امکان‌پذیر است.

واژه‌های کلیدی: برنج، تجزیه‌های چند متغیره، عملکرد دانه، لاین‌های نوترکیب، واریانس ژنتیکی و وراثت‌پذیری

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱۱/۲۴ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۳/۰۳ این مقاله مستخرج رساله دکتری نگارنده اول می‌باشد

۱- دانشجوی دکتری دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران
۲- استاد دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران. (مکاتبه کننده) (پست الکترونیک: rabiei@guilan.ac.ir)
۳- دانش آموخته دکتری دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

مقدمه

برنج (.*Oryza sativa* L) یکی از مهم‌ترین گیاهان زراعی است که نیاز غذایی بیش از نیمی از جمعیت جهان را تامین می‌کند. با وجود این‌که مناطق زیادی از کشور ایران به تولید این محصول راهبردی اختصاص یافته است، اما مقدار تولید پاسخگوی نیاز کشور نیست و حجم زیادی از نیاز کشور از طریق واردات تامین می‌شود (faostat, 2018). با توجه به رشد روز افزون جمعیت کشور و به تبع آن افزایش تقاضا برای محصولات کشاورزی، افزایش عملکرد دانه برنج در واحد سطح یکی از مهم‌ترین اهداف به‌نژادی محسوب می‌شود. علاوه بر این، با توجه به این‌که بیش‌تر مصرف کنندگان برنج کشور، برنج‌های محلی و با کیفیت پخت بالا را می‌پسندند، از این‌رو افزایش عملکرد دانه بدون توجه به کیفیت پخت آن، موفقیت‌آمیز نخواهد بود. بنابراین شناسایی ژنوتیپ‌های پرمحصول و با کیفیت پخت بالا، جهت تامین نیاز مصرف کنندگان برنج کشور لازم و ضروری است (Goli *et al*., 2016; Jokarfard and Rabiei, 2020).

تولید ارقام پرمحصول و با کیفیت مطلوب، از طریق شناسایی ذخایر ژنتیکی و تنوع ژنتیکی موجود و همچنین شناسایی ارقام دارای صفات مطلوب امکان‌پذیر است. بر این اساس، پایه کار به‌نژادی، تنوع ژنتیکی است و بدون وجود تنوع، به‌نژادی و انتخاب مفهومی نخواهد داشت (De *et al*., 1992).

استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره مانند تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به‌عامل‌ها در انواع گیاهان زراعی از جمله برنج برای گروه‌بندی صفات، کاهش حجم داده‌ها و شناسایی عوامل تاثیرگذار بر صفات مورد مطالعه، جهت شناسایی ارقام و ژنوتیپ‌های برتر کاربرد فراوانی دارد (Ghorbani *et al*., 2011; Khadem Hosseini and Rabiei, 2021). تجزیه خوشه‌ای یکی از روش‌های آماری چندمتغیره است که برای تعیین تنوع در جوامع گیاهی و دسته‌بندی آن‌ها به گروه‌های مختلف براساس فاصله ژنتیکی و یا تشابه ژنتیکی استفاده می‌شود (Romesburg, 2004). از این روش می‌توان برای شناسایی گروه‌های واقعی افراد براساس تشابه ژنتیکی بین آن‌ها، کاهش داده‌ها و انتخاب افراد محدودی از هر گروه یا دسته استفاده کرد. هدف از خوشه‌بندی داده‌ها آن است که مشاهده‌ها به گروه‌های متجانس تقسیم شوند، به‌طوری‌که مشاهده‌های گروه‌های مختلف کم‌ترین شباهت را به هم داشته باشند (Jobson, 2012). تحلیل عاملی یک روش آماری چندمتغیره برای شناسایی و ساده کردن مجموعه ای از داده‌های پیچیده است که در آن هر عامل ترکیبی خطی از متغیرهای اصلی است. این روش برای برآورد اجزای عملکرد، استخراج زیر مجموعه‌ای از متغیرهای همسان، شناخت مفاهیم اساسی داده‌های چند متغیره و کاربردی موجود بین صفات، کاهش تعداد زیادی از صفات همبسته به تعداد کمی از عامل‌ها و تشریح همبستگی بین متغیرها مناسب است (Leilah and Al-Khateeb, 2005).

نتایج حاصل از تجزیه به عامل‌ها در آزمایش قربانی و همکاران (Ghorbani *et al*., 2011) جهت طبقه بندی تعدادی از ارقام برنج ایرانی و خارجی و تلاقی‌های میان آن‌ها نشان داد که سه عامل اصلی و مستقل، ۷۷/۷۲ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه می‌کنند. این سه عامل به‌نام‌های خصوصیات مورفولوژیک، عملکرد و اجزای عملکرد و عامل فنولوژیک نام‌گذاری شدند. در عامل عملکرد و اجزای آن، صفات عملکرد دانه، تعداد دانه پر در خوشه، تعداد دانه پوک در خوشه و وزن هزار دانه قرار داشتند که همبستگی آنها با عملکرد دانه معنی‌دار بود.

دانش گیلوایی و همکاران (Danesh Gilvaei *et al*., 2016) ضمن ارزیابی ارتباط بین عملکرد دانه با سایر صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک در ۱۵۰ لاین برنج، برای گروه‌بندی لاین‌ها از تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به عامل استفاده کردند. نتایج تجزیه به عامل‌ها

نشان داد که چهار عامل اصلی و مستقل ۹۴/۲۳ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه کردند. عامل اول با توجیه ۵۱/۹۹ درصد از واریانس کل به‌عنوان عامل اجزای عملکرد و میزان باروری. عامل دوم با توجیه ۲۵/۴۱ درصد از واریانس کل به‌عنوان عامل میزان باروری، عملکرد و اجزای عملکرد، عامل سوم نیز با توجیه ۱۱/۵۰ درصد از واریانس کل به‌عنوان عامل صفات فیزیولوژیک و عامل چهارم با توجیه ۵/۳۳ درصد از واریانس کل به‌عنوان عامل مورفولوژی نام‌گذاری شدند. نتایج تجزیه خوشه‌ای، لاین‌های مورد مطالعه را در چهار خوشه مجزا گروه‌بندی و صحت گروه‌بندی را ۹۲/۷ درصد نشان داد.

خادم‌حسینی و ربیعی (Khadem Hosseini and Rabiei, 2021) نیز روابط بین صفات مرتبط با عملکرد و کیفیت دانه را در ۶۲ لاین امیدبخش برنج ارزیابی و با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس وارد، لاین‌های مورد مطالعه را در سه خوشه گروه‌بندی کردند. لاین‌های گروه اول که از نظر صفاتی مانند تعداد خوشه در بوته، تعداد دانه پر در خوشه، درصد باروری خوشه و عملکرد دانه دارای میانگین بالاتری بوده و در مقابل تعداد دانه پوک و ارتفاع بوته کم‌تری نسبت به سایر گروه‌ها داشت، به‌عنوان لاین‌های برتر شناخته شدند.

در پژوهش حاضر ضمن ارزیابی تنوع ژنتیکی بین تعدادی از لاین‌های برنج، گروه‌بندی آنها با استفاده از صفات مورفولوژیک و زراعی به‌منظور شناسایی لاین‌های امیدبخش برتر از نظر عملکرد و کیفیت دانه جهت معرفی انجام شد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد استفاده در این پژوهش شامل تعداد ۱۴۱ لاین خویش‌آمیخته نوترکیب بود که به‌همراه والدین آنها (ارقام سپیدرود و غریب) جهت انتخاب لاین‌های پر محصول و با کیفت برتر ارزیابی شدند. کاشت بذرها در ۱۵ فروردین ۱۳۹۷ در خزانه موسسه تحقیقات برنج کشور- رشت انجام و سپس گیاهچه‌های حاصل به مزرعه پژوهشی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان انتقال داده شدند. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار انجام شد. گیاهچه‌های هر لاین در سه ردیف و هر ردیف با ۱۵ گیاهچه و فاصله ۲۵×۲۵ سانتی‌متر به‌صورت تک‌نشا، با فاصله ۵۰ سانتی‌متر از سایر لاین‌ها نشاکاری شدند. مراقبت‌های لازم طی رشد و نمو گیاهان از قبیل آبیاری، وجین، کوددهی و مبارزه با آفات و بیماری‌ها طبق استاندارد مؤسسه تحقیقات برنج کشور و مؤسسه بین‌المللی تحقیقات برنج انجام شد. جهت مبارزه با علف‌های هرز مزرعه به‌ویژه سوروف و علف‌های هرز حاشیه مزرعه به‌ترتیب از علف‌کش‌های بوتاکلر و رانداپ استفاده شد. به‌علاوه علف‌های هرز مزرعه با وجین دستی دو بار، به‌ترتیب ۲۵ و ۴۵ روز بعد از نشاکاری، وجین شدند. جهت مبارزه با کرم ساقه خوار برنج از گرانول دیازینون ۱۰ درصد به‌میزان ۲۰ کیلوگرم در هکتار در دو مرحله استفاده شد. کود پتاسیم به‌میزان ۷۰ کیلوگرم در هکتار از منبع سولفات پتاسیم و کود فسفر به‌میزان ۸۰ کیلوگرم در هکتار از منبع سوپرفسفات تریپل قبل از نشاکاری و کود نیتروژن به مقدار ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار از منبع اوره در سه مرحله قبل از قبل از نشاکاری، حداکثر پنجه‌زنی و قبل از خوشه‌دهی، به صورت یک‌سوم در هر بار، به خاک داده شدند.

صفات اندازه‌گیری شده شامل تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی کامل، تعداد کل پنجه در بوته، تعداد خوشه در بوته، تعداد دانه پر در خوشه، تعداد دانه پوک در خوشه، تعداد کل دانه یا خوشه‌چه در خوشه، درصد باروری خوشه، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، طول خوشه (سانتی‌متر)، وزن هزار دانه (گرم)، طول دانه (میلی‌متر)، عرض دانه (میلی‌متر)،

شکل دانه (نسبت طول به عرض دانه) و عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار) بودند. جهت اندازه‌گیری صفات مورد نظر تعداد ۱۰ بوته به‌طور تصادفی از هر لاین در هر کرت، بعد از حذف حاشیه، انتخاب و میانگین آنها برای تجزیه‌های آماری استفاده شد. تمامی صفات بر اساس دستورالعمل استاندارد ارزیابی صفات برنج (SES, 2005) اندازه‌گیری و ثبت شدند.

تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها با آزمون توکی و با استفاده از نرم‌افزار SAS Ver. 9.2 انجام شد (SAS, 2004). به‌منظور تعیین ویژگی‌های جمعیت مورد مطالعه، شاخص‌های آماری و ژنتیکی شامل میانگین، واریانس فنوتیپی و اجزای آن، ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی و وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی (Valizadeh and Moghaddam, 2014; Jokarfard and Rabiei, 2020) برای هر یک از صفات اندازه‌گیری شده با استفاده از نرم‌افزار Excel برآورد شدند. جهت تعیین میزان تفاوت‌ها و شباهت‌های بین ژنوتیپ‌ها از معیار فاصله اقلیدسی استفاده و سپس دندروگرام تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش UPGMA رسم شد. به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و تعیین تعداد گروه‌ها ابتدا برش دندروگرام از فاصله‌های مختلف انجام شد و سپس صحت گروه‌بندی حاصل با استفاده از تجزیه تابع تشخیص ارزیابی شد. تجزیه به‌عامل‌ها به روش مولفه‌های اصلی جهت تحلیل روابط بین صفات و تهیه نمودار پراکنش ژنوتیپ‌ها انجام و ماتریس ضرایب عاملی پس از چرخش وریماکس انجام شد. تجزیه‌های آماری چند متغیره شامل تجزیه خوشه‌ای و رسم دندروگرام مربوطه، تجزیه به عامل‌ها و نمودار بای‌پلات حاصل از آن و تجزیه تابع تشخیص با استفاده از نرم‌افزار SPSS Ver. 26 انجام شد (Zare Chahouki, 2010; SPSS, 2018).

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های برنج مورد مطالعه برای کلیه صفات اندازه‌گیری شده وجود داشت که نشان دهنده تنوع ژنتیکی قابل توجه در آنها و امکان انتخاب تعدادی از آنها به‌عنوان لاین‌های برتر بود. ضریب تغییرات نیز برای صفات بین ۵ تا ۱۶/۶ درصد بود که نشان دهنده دقت مناسب و قابل اعتماد بودن نتایج است.

برای ارزیابی ویژگی‌های آماری و ژنتیکی، به‌ویژه میزان وراثت‌پذیری صفات و تنوع ژنتیکی بین لاین‌های مورد مطالعه، شاخص‌های آماری و ژنتیکی شامل میانگین، واریانس‌های فنوتیپی، ژنتیکی و افزایشی، ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی و نیز وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی به‌تفکیک برای هر یک از صفات محاسبه شد (جدول ۲). نتایج نشان داد که علاوه بر وجود تنوع ژنتیکی بسیار بالا بین لاین‌ها، سهم قابل توجهی از تنوع ژنتیکی مشاهده شده در جمعیت برای اکثر صفات، به‌ویژه عملکرد و اجزای عملکرد دانه، قابل انتقال به نتاج بوده و می‌توان با انتخاب لاین‌های برتر، جمعیت مورد مطالعه را اصلاح کرد. به‌علاوه میانگین لاین‌ها برای بسیاری از صفات اندازه‌گیری شده قابل توجه و بالا بود که نشان دهنده انتخاب آگاهانه و درست والدین و تلاقی آنها برای تشکیل یک جمعیت اصلاحی ارزشمند بود. جمعیت ایجاد شده علاوه بر داشتن تنوع مطلوب، میانگین بالایی نیز برای اکثر صفات مهم زراعی داشت. به‌عنوان مثال، لاین‌های مورد ارزیابی به‌طور متوسط دارای ۲۰ خوشه در هر بوته با میانگین طول خوشه ۲۹ سانتی‌متر بوده و با باروری بیش از ۷۵ درصد و تولید بیش از ۹۰ دانه پر در هر خوشه، میانگین عملکرد دانه بیش از ۳۴۰۰ کیلوگرم در هکتار داشتند (جدول ۲).

بررسی ضرایب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی صفات نشان داد که تنوع نسبتاً بالایی در ژنوتیپ‌های برنج برای

اکثر صفات اندازه‌گیری شده وجود داشت. توجه به این نکته ضروری است که اگرچه واریانس ژنتیکی نیز میزان تنوع ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه را نشان می‌دهد، اما با توجه به اینکه واریانس دارای واحد اندازه‌گیری است و واحد آن برابر با توان دوم مقیاس صفت مربوطه است و صفات مختلف دارای مقیاس‌های متفاوتی هستند، از این‌رو نمی‌توان بر اساس واریانس میزان تنوع ژنتیکی جمعیت را در بین صفات مختلف مقایسه و صفات با بیشترین تنوع را شناسایی کرد. در مقابل ضریب تغییرات، میانگین تنوع یا انحراف معیار جمعیت را بر حسب درصد میانگین هر صفت نشان می‌دهد و بنابراین یک شاخص استاندارد و بدون واحد است (Rabiei and Mohit, 2013). از این‌رو به راحتی می‌توان تنوع موجود در جمعیت را ارزیابی و نسبت به اصلاح جمعیت برای صفاتی که بیشترین تنوع ژنتیکی را دارند و امکان اصلاح آنها بیشتر از سایر صفات است، اقدام کرد. نتایج این تحقیق نشان داد که کمترین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی مربوط به صفت روز تا ۵۰ درصد گلدهی بود، در حالی‌که اجزای عملکرد، به‌ویژه تعداد دانه پر و پوک در خوشه، تعداد خوشه در بوته و عملکرد دانه دارای بیش‌ترین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی بودند.

میزان وراثت‌پذیری عمومی برآورد شده برای صفات از حدود ۴۰ درصد برای طول خوشه تا حدود ۸۷ درصد برای عرض دانه و روز تا رسیدگی متغیر بود. میزان وراثت‌پذیری خصوصی صفات نیز از حدود ۲۰ درصد برای طول خوشه تا حدود ۴۳ درصد برای عرض دانه، روز تا رسیدگی و وزن هزار دانه متفات بود (جدول ۲). با توجه به اینکه وراثت‌پذیری عمومی، نقش ژنتیک را در مقابل محیط در کنترل تنوع یک صفت نشان می‌دهد و در مقابل وراثت‌پذیری خصوصی، نقش ژن‌های با آثار افزایشی را در کنترل میزان تنوع صفت نشان داده و سهم قابل انتقال تنوع صفت از والدین به نتاج را نشان می‌دهد، بنابراین اهمیت وراثت‌پذیری خصوصی بسیار بیشتر بوده و بر اساس آن می‌توان بازده ژنتیکی را برای روش‌های مختلف به‌نژادی جمعیت برآورد و بهترین روش را پیش‌بینی کرد (Valizadeh and Moghaddam, 2014).

نتایج حاصل از برآورد شاخص‌های ژنتیکی در لاین‌های نوترکیب مورد ارزیابی نشان داد که سهم نسبتا بالایی از تنوع فنوتیپی و ژنتیکی موجود در لاین‌ها قابل انتقال به نسل بعد بوده و بنابراین می‌توان لاین‌های مناسب و برتر امیدبخش را شناسایی و به‌طور موفقیت‌آمیزی جمعیت مورد مطالعه را اصلاح کرد. الهقلی‌پور و همکاران (Allahgholipour *et al.*, 2014) نیز به‌منظور مطالعه ساختار مورفولوژیک و فیزیکوشیمیایی دانه و تعیین الگوی هتروتیک ارقام برنج، ۹۴ ژنوتیپ برنج از کلکسیون موسسه تحقیقات برنج کشور را بر اساس ۲۴ صفت مورفولوژیک و فیزیکوشیمیایی دانه طی دو سال زراعی مورد ارزیابی دادند. نتایج نشان داد که تنوع بالایی بین ژنوتیپ‌های برنج از نظر هر دو گروه صفات مورفولوژیک و فیزیکوشیمیایی دانه وجود داشت و ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش دورترین همسایه‌ها به نه خوشه با ویژگی‌های متفاوت گروه‌بندی شدند. کعب عمیر و همکاران (Kaab Omeyr *et al.*, 2022) نیز به‌منظور انتخاب ارقام مناسب جهت کشت دیم (بدون آبیاری) در شرایط محیطی استان خوزستان، تنوع ژنتیکی بین ۳۴ رقم بومی و اصلاح شده برنج را ارزیابی و نشان دادند که تنوع قابل توجهی بین ارقام مورد ارزیابی وجود داشت. آنها ۳۴ رقم مورد مطالعه را بر اساس تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس وارد با استفاده از صفات زراعت اصلی به چهار خوشه و بر اساس صفات زراعت راتون به دو خوشه با ویژگی‌های متفاوت گروه‌بندی کردند.

جدول ۱- میانگین، اجزای واریانس، ضریب تغییرات و وراثت‌پذیری صفات گیاهی ۱۴۱ لاین خویش‌آمیخته نوترکیب برنج

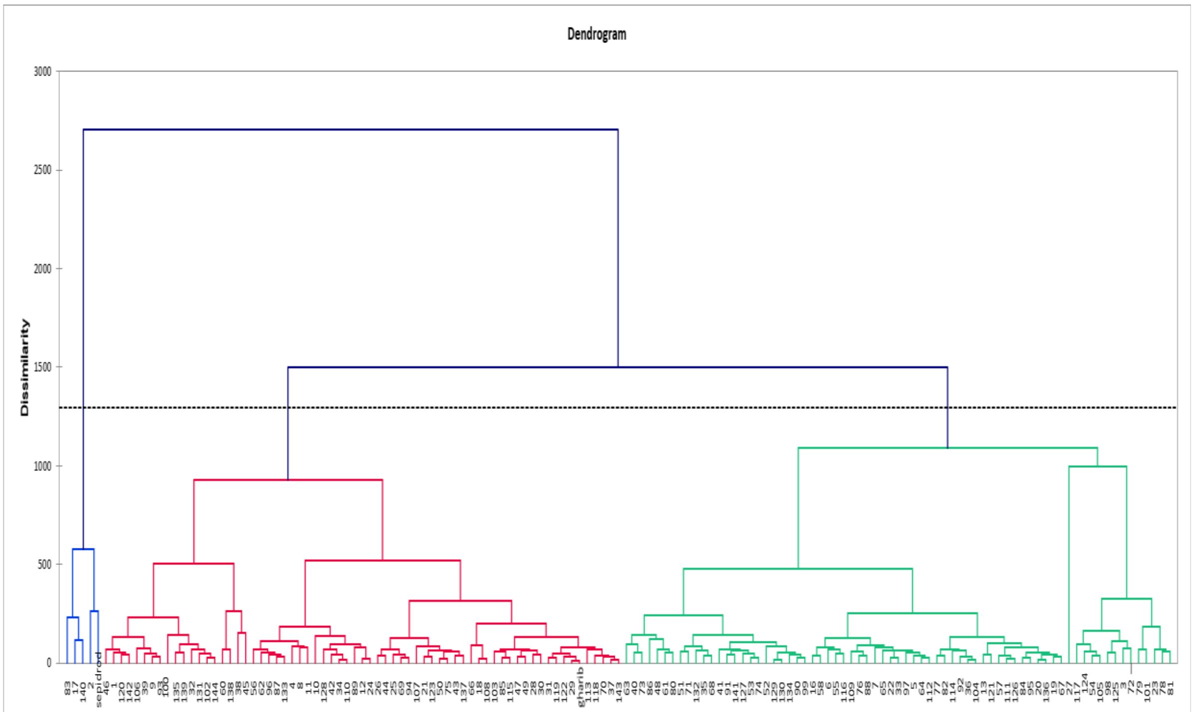
Table 1. Mean, variance components, coefficient of variation and heritability of plant traits in 141 recombinant rice lines

		اجزای واریانس Variance components				ضریب تغییرات Coefficient of variation (%)		وراثت‌پذیری Heritability (%)	
صفات گیاهی Plant traits	میانگین Mean	فنوتیپی Phenotypic	ژنوتیپی Genotypic	افزایشی Additive	محیطی Environmental	فنوتیپی Phenotypic	ژنوتیپی Genotypic	عمومی Broad-sense	خصوصی Narrow-sense
NPP	20.23	21.16	11.65	5.83	9.51	22.86	16.96	55.07	27.53
NTP	21.56	23.85	14.89	7.45	26.88	22.75	17.98	62.43	31.22
PL	29.11	15.40	6.21	3.10	3.11	13.51	8.57	40.29	20.14
NGP	90.66	528.47	398.57	199.29	389.68	25.40	22.06	75.42	37.71
NUGP	29.72	277.44	230.02	115.01	142.27	55.75	50.76	82.91	41.45
NSP	120.37	719.95	536.76	268.38	549.58	22.29	19.25	74.55	37.28
PFP	75.64	137.59	117.78	58.89	59.43	15.54	14.37	85.60	42.80
TGW	24.04	10.51	9.14	4.57	4.10	13.52	12.61	86.99	43.49
GL	9.62	0.48	0.39	0.20	0.25	7.18	6.52	82.48	41.24
GW	2.53	0.05	0.05	0.02	0.02	9.25	8.61	86.81	43.41
GS	24.30	5.73	4.51	4.51	3.65	9.85	8.74	78.77	39.39
PH	124.65	135.93	64.68	2.25	213.76	9.36	6.45	47.58	23.79
NDM	93.49	62.29	54.33	27.17	23.86	8.48	7.92	87.23	43.62
NDF	65.69	14.38	8.65	4.32	17.19	5.77	4.48	60.15	30.07
GY	3432.69	996820.83	600799.9	300399.9	1188063	29.32	22.76	60.27	30.14

NPP: تعداد خوشه در بوته، NTP: تعداد پنجه در بوته،PL: طول خوشه (سانتی‌متر)، NGP: تعداد دانه پر در خوشه، NUGP: تعداد دانه پوک در خوشه، NSP: تعداد کل دانه (خوشه‌چه) در خوشه، PFP: درصد باروری خوشه، TGW: وزن هزار دانه (گرم)، GL: طول دانه (میلی‌متر)، GW: عرض دانه (میلی‌متر)، GS: شکل (نسبت طول به عرض) دانه، PH: ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، NDF: روز تا ۵۰ درصد گلدهی، NDM: روز تا رسیدگی، GY: عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)

NPP: number of panicles per plant; NTP: number of tillers per plant; PL: panicle length (cm); NGP, number of filled grain.panicle^{-1}; NUGP: number of unfilled grain.panicle^{-1}; NSP: number of spikelet.panicle^{-1}; PFP: panicle fertility percentage; TGW: 1000 grain weight (g); GL: grain length (mm); GW: grain width (mm); GS: grain shape; PH: plant height (cm); NDF: number of days to 50% flowering; NDM: number of days to maturity; GY: grain yield (kg.ha^{-1})

به‌منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی و تعیین میزان تشابه و فاصله ژنتیکی بین لاین برنج مورد مطالعه بر اساس صفات مورفولوژیک ارزیابی شده، ابتدا فاصله ژنتیکی ژنوتیپ‌ها بر اساس روش فاصله اقلیدسی محاسبه و سپس دندروگرام تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA رسم شد. جهت برش دندروگرام و تعیین تعداد خوشه‌ها نیز از تجزیه تابع تشخیص استفاده و صحت خوشه‌بندی ارزیابی شد. بر اساس نتایج حاصله ژنوتیپ‌های برنج به سه گروه یا خوشه اصلی گروه‌بندی شدند (شکل ۱). والد سپیدرود همراه با چهار لاین ۲، ۱۷، ۸۳ و ۱۴۰ که تشابه ژنتیکی بیشتری به والد سپیدرود داشتند، در خوشه اول قرار گرفتند. والد غریب همراه با ۶۶ لاین نوترکیب با ویژگی‌ها و تشابهات ژنتیکی مشابه با والد غریب در خوشه دوم گروه‌بندی شدند. در گروه سوم نیز ۷۱ لاین نوترکیب با تشابهات ژنتیکی بیشتر، اما با فاصله ژنتیکی بیشتر و با ویژگی‌های متفاوت از هر دو والد سپیدرود و غریب گروه‌بندی شدند.



شکل ۱- گروه‌بندی ۱۴۱ لاین خویش‌آمیخته نوترکیب برنج بر اساس صفات مورفولوژیک با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای UPGMA

Fig. 1. Grouping 141 rice recombinant lines based on morphological traits using cluster analysis by UPGMA

جهت ارزیابی ارزش هر یک از خوشه‌ها از نظر صفات اندازه‌گیری شده، میانگین و انحراف میانگین هر یک از خوشه‌ها از میانگین کل محاسبه شد. نتایج نشان داد که گروه اول با چهار لاین نوترکیب به‌همراه والد سپیدرود از نظر کلیه صفات مرتبط با عملکرد دانه شامل تعداد خوشه در بوته، تعداد پنجه در بوته، طول خوشه، تعداد دانه پر در خوشه، تعداد کل دانه در خوشه، درصد باروری خوشه و عملکرد دانه دارای میانگین بالاتر و در مقابل از نظر تعداد دانه پوک درخوشه و ارتفاع بوته دارای میانگین کم‌تری از میانگین کل لاین‌ها و نیز میانگین دو گروه دیگر بود (جدول ۳). گروه دوم شامل ۶۶ لاین همراه با والد غریب بود که از نظر وزن هزار دانه

نسبت دو گروه دیگر دارای میانگین بالاتری بود، اما لاین‌های این گروه از نظر صفات مهمی مانند ارتفاع بوته و روز تا رسیدگی فیزیولوژیک مقادیر بالاتری داشتند که نشان می‌دهد لاین‌های این گروه دیررس بوده و احتمال مواجه شدن با بارندگی‌های انتهای فصل و وقوع خوابیدگی بوته برای آنها وجود داشته و در نتیجه علاوه بر بروز مشکل در برداشت، احتمال افت کیفیت دانه‌ها نیز وجود دارد. گروه سوم نیز که شامل ۷۱ لاین بود، از نظر طول و عرض دانه به‌ترتیب بیش‌ترین و کم‌ترین میانگین را نسبت به میانگین دو گروه دیگر و میانگین کل داشتند، اما از نظر عملکرد دانه کم‌ترین مقدار را به‌خود اختصاص دادند. بنابراین لاین‌های این گروه از نظر ابعاد و یا شکل دانه و کیفیت ظاهری دانه‌ها وضعیت مناسبی داشتند، اما با میانگین عملکرد ۲۶۱۰ کیلوگرم در هکتار، کم محصول‌ترین لاین‌ها در این پژوهش بودند (جدول ۳). با توجه به نتایج تجزیه خوشه‌ای، لاین‌های خوشه اول (شامل لاین‌های ۲، ۱۷، ۸۳ و ۱۴۰ همراه با والد سپیدرود) به‌عنوان لاین‌های برتر این تحقیق شناخته شدند. میانگین صفات مورد مطالعه در این لاین‌ها در جدول ۶ ارایه شده است. به‌علاوه از لاین‌های موجود در خوشه اول و سوم می‌توان جهت انتخاب والدین برای آزمایش‌های بعدی استفاده کرد.

جدول ۳- میانگین و انحراف از میانگین کل گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۱۴۱ لاین خویش‌آمیخته نوترکیب برنج

Table 3. Mean and deviation from the total mean of groups of cluster analysis of 141 rice recombinant lines

خوشه Cluster	صفات گیاهی Plant traits	NPP	NTP	PL	NGP	NUGP	NSP	PFP	TGW	GL	GW	GS	PH	NDM	NDF	GY
خوشه ۱ Cluster 1	میانگین خوشه Cluster mean	28.6	30.5	31.0	114.3	19.8	133.7	85.3	23.9	9.30	2.54	23.56	123.5	94.8	66.7	6043.7
	انحراف از میانگین کل Deviation from total mean	8.4	9.0	1.8	23.6	-9.9	13.4	9.7	-0.1	-0.33	0.01	-0.74	-1.1	1.3	1.0	2611.0
خوشه ۲ Cluster 2	میانگین خوشه Cluster mean	22.3	23.7	29.2	98.9	24.8	123.7	80.0	24.3	9.58	2.56	24.40	124.8	92.8	65.8	4109.3
	انحراف از میانگین کل Deviation from total mean	2.1	2.1	0.1	8.2	-4.9	3.3	4.3	0.3	-0.04	0.02	0.10	0.1	-0.7	0.1	676.6
خوشه ۳ Cluster 3	میانگین خوشه Cluster mean	17.7	18.9	28.9	81.2	35.0	116.3	70.9	23.8	9.69	2.51	24.26	124.6	94.1	65.5	2610.3
	انحراف از میانگین کل Deviation from total mean	-2.5	-2.6	-0.2	-9.4	5.3	-4.1	-4.8	-0.2	0.07	-0.02	-0.04	0.0	0.6	-0.2	-822.4

NPP: تعداد خوشه در بوته، NTP: تعداد پنجه در بوته، PL: طول خوشه (سانتی‌متر)، NGP: تعداد دانه پر در خوشه، NUGP: تعداد دانه پوک در خوشه، NSP: تعداد کل دانه (خوشه‌چه) در خوشه، PFP: درصد باروری خوشه، TGW: وزن هزار دانه (گرم)، GL: طول دانه (میلی‌متر)، GW: عرض دانه (میلی‌متر)، GS: شکل (نسبت طول به عرض) دانه، PH: ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، NDF: روز تا ۵۰ درصد گلدهی، NDM: روز تا رسیدگی، GY: عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار)

NPP: number of panicles per plant; NTP: number of tillers per plant; PL: panicle length (cm); NGP, number of filled grain.panicle^{-1}; NUGP: number of unfilled grain.panicle^{-1}; NSP: number of spikelet.panicle^{-1}; PFP: panicle fertility percentage; TGW: 1000 grain weight (g); GL: grain length (mm); GW: grain width (mm); GS: grain shape; PH: plant height (cm); NDF: number of days to 50% flowering; NDM: number of days to maturity; GY: grain yield (kg.ha^{-1})

جهت بررسی صحت نتایج تجزیه خوشه‌ای، اطمینان از رسم ناحیه برش دندروگرام و تعیین تعداد واقعی گروه‌ها از تجزیه تابع تشخیص استفاده شد (جدول ۴) . نتایج تجزیه تابع تشخیص نشان داد که صحت نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای در گروه‌بندی ژنوتیپ‌های برنج مورد مطالعه ۹۶/۵ درصد بوده است. بر این اساس، گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها در گروه‌های اول و سوم کاملاً صحیح بوده و نتایج تجزیه تشخیص نیز این موضوع را مورد تایید قرار داد. در مقابل، از تعداد ۶۷ ژنوتیپی که بر اساس تجزیه خوشه‌ای در گروه دوم قرار گرفتند، تجزیه تشخیص ۶۲ ژنوتیپ را تایید و سه و دو ژنوتیپ دیگر را به‌ترتیب در گروه‌های اول و سوم قرار داد. بنابراین بر

اساس تابع تشخیص، تعداد هفت لاین همراه با والد سپیدرود در گروه اول، ۶۱ لاین همراه با والد غریب در گروه دوم و ۷۳ لاین در گروه سوم دسته‌بندی شدند. دانش‌گیلوایی و همکاران (Danesh Gilvaei *et al.*, 2017) تعداد ۱۵۰ لاین برنج را بر اساس صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک در شرایط تنش خشکی مورد ارزیابی قرار داده و با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای لاین‌های مورد مطالعه در چهار خوشه گروه‌بندی شدند. خادم‌حسینی و ربیعی (Khadem Hosseini and Rabiei, 2021) نیز ۶۲ لاین امیدبخش برنج را با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس وارد بر اساس صفات مرتبط با عملکرد و کیفیت دانه به سه گروه مجزا با ویژگی‌های متفاوت گروه‌بندی و لاین‌های موجود در گروه اول که از نظر عملکرد و اجزای عملکرد دانه دارای میانگین بالاتر و از نظر تعداد دانه پوک و ارتفاع بوته دارای میانگین کم‌تری نسبت به دو خوشه دیگر بودند را به‌عنوان لاین‌های برتر معرفی کردند.

جدول ۴- ارزیابی صحت خوشه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۱۴۱ لاین خویش‌آمیخته نوترکیب برنج با استفاده از تجزیه تابع تشخیص

Table 4. Evaluation of the accuracy of clustering of 141 rice recombinant lines resulting from cluster analysis using detection discriminant function analysis

تعداد/درصد Number/Percentage	شماره گروه Group number 1	2	3	تعداد ژنوتیپ‌ها Number of genotypes
تعداد Number	5	0	0	5
	3	62	2	67
	0	0	71	71
درصد Percentage	100	0	0	100
	4.5	92.5	3	100
	0	0	100	100
Grouping accuracy (%)			96.5	
Wilks' Lambda			0.241	
Chi-square			199.029	
Significant level			0.000	

به‌منظور تحلیل روابط بین صفات مورد مطالعه از طریق شناسایی عامل‌های مشترک موثر بر این صفات و نیز گروه‌بندی صفات و ژنوتیپ‌ها از تجزیه به عامل‌ها استفاده و بارهای عاملی (Factor loading) مربوطه بر اساس ماتریس ضرایب همبستگی بین صفات به روش مولفه‌های اصلی پس از چرخش وریماکس برآورد شدند. نتایج مربوط به ضرایب عاملی برآورد شده همراه با ریشه‌های مشخصه، درصد واریانس توجیه شده توسط هر عامل و درصد واریانس تجمعی عامل‌های شناسایی شده در جدول ۵ ارائه شده است. واریانس مشترک (Communality) که نشان دهنده بخشی از واریانس هر صفت است و توسط عامل‌های مشترک شناسایی شده توصیف می‌شود نیز محاسبه و در جدول ۵ ارائه شده است. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که سه عامل اصلی و مستقل روی صفات اندازه‌گیری شده اثر گذاشته و دلیل ایجاد روابط بین این صفات در لاین‌های مورد ارزیابی بودند. این سه عامل مجموعا حدود ۹۶ درصد از تنوع کل صفات در جمعیت مورد مطالعه را توجیه کردند. واریانس مشترک توجیه شده توسط این سه عامل برای کلیه صفات، به‌غیر از تعداد کل خوشه‌چه در خوشه و روز تا ۵۰ درصد گلدهی، بیش از ۵۰ درصد بود. برای کلیه صفات مرتبط با عملکرد و اجزای عملکرد دانه

شامل تعداد پنجه و تعداد خوشه در بوته، تعداد دانه پر و پوک در خوشه، درصد باروری خوشه، طول خوشه، طول دانه، روز تا رسیدگی و عملکرد دانه، میزان واریانس مشترک بیش از ۸۰ درصد بود که نشان دهنده مطلوبیت اجرای تجزیه عاملی بود، به این معنی که عامل‌های مستقل شناسایی شده، مناسب بوده و به‌خوبی توانستند ارتباط بین صفات را توجیه کنند.

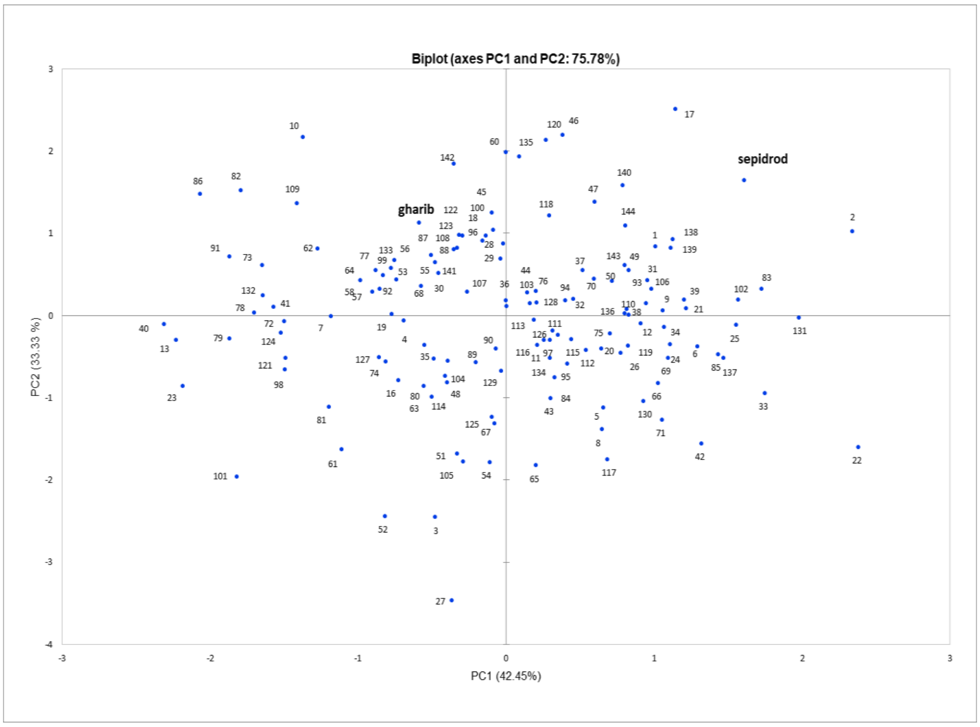
به‌منظور گروه‌بندی صفات مورد مطالعه بر مبنای نتایج تجزیه عاملی از بارهای عاملی استفاده و مقادیر بزرگ‌تر از نیم به‌عنوان بارهای عاملی معنی‌دار در نظر گرفته شد و سپس هر صفت به عاملی اختصاص یافت که قدر مطلق بار عاملی بزرگ‌تری در آن عامل داشت (Moghaddam *et al.,* 2009). بر این اساس، کلیه صفات مرتبط با عملکرد دانه شامل تعداد پنجه و تعداد خوشه در بوته، طول خوشه، تعداد دانه پر، پوک و خوشه‌چه در خوشه، درصد باروری خوشه، وزن هزار دانه، ارتفاع بوته و عملکرد دانه در عامل اول قرار گرفتند که بار عاملی تعداد دانه پوک در خوشه و ارتفاع بوته، منفی و سایر صفات مثبت بود. این عامل که به‌تنهایی ۴۲/۴۵ درصد از تنوع کل جمعیت را توجیه کرد، به‌عنوان عامل عملکرد و اجزای عملکرد دانه نام‌گذاری شد. عامل دوم شامل طول، عرض و شکل دانه بود که اجزای تعیین کننده کیفیت ظاهری دانه در برنج هستند. این عامل که در حدود ۳۳ درصد از تنوع کل را توجیه کرد، دارای بار عاملی مثبت برای طول و شکل دانه و بار عاملی منفی برای عرض دانه بود و به‌عنوان عامل کیفیت ظاهری دانه نام‌گذاری شد. عامل سوم نیز که به‌تنهایی در حدود ۲۰ درصد از تنوع کل را توجیه کرد، دارای بارهای عاملی معنی‌دار برای روز تا ۵۰ درصد گلدهی و روز تا رسیدگی بود و به‌عنوان عامل فنولوژیک موثر بر صفات مورد مطالعه نام‌گذاری شد. با توجه به این‌که در روش تجزیه عاملی، عامل‌های اولیه شناسایی شده، مهم‌ترین عامل‌های توجیه کننده تنوع در جمعیت مورد مطالعه هستند، از این‌رو در صورت انتخاب لاین‌های برتر این آزمایش بر مبنای عامل‌های اول و دوم می‌توان همزمان به لاین‌های با عملکرد دانه بالا و کیفیت ظاهری مطلوب و در صورت انتخاب لاین‌های برتر بر مبنای عامل‌های اول و سوم می‌توان به لاین‌های با عملکرد دانه و دوره رسیدگی مطلوب دست یافت.

جدول ۵- نتایج تجزیه به عامل‌ها برای صفات گیاهی مورد ارزیابی در ۱۴۱ لاین خویش‌آمیخته نوترکیب برنج

Table 5. Results of factor analysis for the plant traits in 141 rice recombinant lines

Plant traits	صفات گیاهی	عامل اول First factor	عامل دوم Second factor	عامل سوم Third factor	واریانس مشترک Communality
		Factor loading بار عاملی			
No. panicle.plant^{-1}	تعداد خوشه در بوته	0.764	-0.203	-0.056	0.856
No. tiller.plant^{-1}	تعداد پنجه در بوته	0.727	-0.315	-0.081	0.867
Panicle length (cm)	طول خوشه	0.616	0.442	0.016	0.898
No. filled grain.panicle^{-1}	تعداد دانه پر در خوشه	0.840	-0.180	-0.029	0.887
No. unfilled grain.panicle^{-1}	تعداد دانه پوک در خوشه	-0.582	-0.111	-0.366	0.987
No. spikelet.panicle^{-1}	تعداد کل دانه در خوشه	0.612	-0.335	-0.234	0.339
Panicle fertility (%)	درصد باروری خوشه	0.573	-0.393	0.139	0.854
1000 grain weight (g)	وزن هزار دانه	0.575	0.414	-0.202	0.645
Grain length (mm)	طول دانه	0.085	0.785	-0.375	0.852
Grain width	عرض دانه	-0.053	-0.690	-0.103	0.633
Grain shape (mm)	شکل دانه	0.213	0.524	-0.189	0.598
Plant height (cm)	ارتفاع بوته	-0.619	0.049	-0.123	0.574
Days to maturity	روز تا رسیدگی	-0.424	-0.052	0.569	0.812
Days to 50% flowering	روز تا ۵۰ درصد گلدهی	-0.173	-0.353	0.514	0.415
Grain yield (kg.ha^{-1})	عملکرد دانه	0.851	0.281	0.238	0.851
Eigen value	مقدار ویژه	4.459	3.531	2.712	–
Variance (%)	درصد واریانس	42.45	33.33	20.21	–
Cumulative variance (%)	واریانس تجمعی	42.45	75.78	95.99	–

به‌منظور گروه‌بندی لاین‌ها و انتخاب لاین‌های برتر بر مبنای نتایج تجزیه عاملی، نمودار پراکنش دو بعدی لاین‌ها بر اساس مهم‌ترین عامل‌های شناسایی شده یعنی دو عامل مستقل اول و دوم که به‌ترتیب تحت عنوان عامل‌های عملکرد و کیفیت ظاهری دانه در نظر گرفته شدند، تهیه شد (شکل ۲). بر این اساس لاین‌های مورد مطالعه به چهار گروه مطابق با چهار ناحیه ایجاد شده در نمودار بای‌پلات تفکیک شدند. بدیهی است که لاین‌های موجود در ناحیه اول دارای مقادیر مثبت و بالاتری برای هر دو عامل اول و دوم یعنی عملکرد و کیفیت ظاهری دانه بوده و بنابراین لاین‌های ارزشمندتری هستند. از نتایج قابل توجه نمودار پراکنش فوق این بود که ارقام سپیدرود و غریب که والدین لاین‌های مورد مطالعه بودند، به‌ترتیب در ناحیه اول و دوم قرار گرفتند. سپیدرود یک رقم اصلاح شده پرمحصول است که دارای عملکرد دانه بالا و کیفیت ظاهری (طول دانه بلند و عرض دانه کم) مناسب است، اگرچه مشکل اصلی این رقم کیفیت پخت پایین و به‌ویژه کیفیت آسیاب و تبدیل پایین بوده و در فرایند تولید برنج سفید آن، خرده‌برنج زیادی تولید می‌کند (Jokarfard and Rabiei, 2020; Khadem Hosseini and Rabiei, 2021). رقم غریب نیز یک رقم محلی ایرانی است که عملکرد پایینی دارد، اما کیفیت ظاهری و پخت مناسبی دارد. بررسی نمودار پراکنش لاین‌ها نشان داد که لاین‌های ۱، ۲، ۹، ۱۷، ۳۱، ۳۷، ۳۸، ۳۹، ۴۶، ۴۷، ۴۹، ۵۰، ۶۰، ۸۳، ۹۳، ۱۰۲، ۱۰۶، ۱۱۸، ۱۲۰، ۱۳۵، ۱۳۸، ۱۳۹، ۱۴۰، ۱۴۳ و ۱۴۴ همراه با والد سپیدرود خود در ناحیه اول قرار گرفتند و در مجموع لاین‌های برتر از نظر عملکرد و کیفیت ظاهری بودند. مقایسه این نتایج با نتایج تجزیه خوشه‌ای که لاین‌های مورد مطالعه را در سه خوشه گروه‌بندی کرد و لاین‌های گروه اول شامل لاین‌های ۲، ۱۷، ۸۳ و ۱۴۰ و رقم سپیدرود بودند و میانگین بالاتری برای عملکرد و اجزای عملکرد داشتند، تاییدی بر تحلیل این نتایج بوده و مطابقت نسبی این دو تجزیه، صحت انتخاب لاین‌های برتر را نشان می‌دهد. اله‌قلی‌پور و همکاران (Allahgholipour *et al.*, 2014) در ارزیابی ویژگی‌های مورفولوژیک ۹۴ ژنوتیپ برنج از مجموعه ژنوتیپ‌های بانک ژن موسسه تحقیقات برنج کشور با استفاده از تجزیه به عامل‌ها نشان دادند که چهار عامل اصلی و مستقل ۷۵/۶۶ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه کردند. آنها عامل اول با توجیه ۲۴/۵ درصد از واریانس کل را به‌عنوان عامل عملکرد دانه و اجزای آن، عامل دوم با توجیه حدود ۱۹ درصد از واریانس کل را به‌عنوان عامل شکل و اندازه دانه، عامل سوم با توجیه حدود ۱۷ درصد از واریانس کل را به‌عنوان عامل فنولوژیک و عامل چهارم با توجیه حدود ۱۴ درصد از تنوع کل را به‌عنوان عامل پرشدن دانه نام‌گذاری کردند. سه عامل مستقل مهم‌تر شناسایی شده توسط این محققین با نتایج تحقیق حاضر مطابقت داشته و عینا در تحقیق حاضر نیز شناسایی شدند. مجیدی‌مهر (Majidimehr, 2018) نیز با مطالعه ده صفت کمی مرتبط با عملکرد در ده ژنوتیپ برنج و توصیف جمعیت مورد مطالعه با استفاده از تجزیه به عامل‌ها، چهار عامل مستقل شناسایی کرد که در حدود ۸۰ درصد از تنوع و واریانس بین کل داده‌ها را توجیه کردند. عامل اول که تحت عنوان شکل و اندازه دانه و عامل دوم که تحت عنوان عملکرد و اجزای عملکرد نام‌گذاری شدند، با نتایج تحقیق حاضر مطابقت داشت. نتایج حاصل تحقیق حاضر با نتایج شاخص‌های انتخاب معرفی شده توسط جوکارفرد و ربیعی (Jokarfard and Rabiei, 2020) نیز مطابقت داشت و لاین‌های امیدبخش تقریباً مشابهی در هر دو تحقیق شناسایی شدند.



شکل ۲- پراکنش ۱۴۱ لاین خویش‌آمیخته نوترکیب برنج بر اساس عامل‌های مستقل اول (عملکرد دانه) و دوم (کیفیت ظاهری)

Fig. 2. Distribution of 141 rice recombinant lines based on the first (grain yield) and second (appearance quality) independent factors

نتیجه‌گیری

نتایج حاصل از تحقیق حاضر نشان داد که تنوع ژنتیکی قابل توجهی در لاین‌های برنج مورد مطالعه وجود داشت که می‌توان از آن جهت به‌نژادی جمعیت و انتخاب لاین‌های برتر و پرمحصول استفاده کرد. نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای، لاین‌های مورد ارزیابی را به سه خوشه با ویژگی‌های متفاوت گروه‌بندی کرد و ارقام سپیدرود و غریب که والدین لاین‌های مورد مطالعه بودند، به‌ترتیب در گروه‌های اول و دوم قرار گرفتند. بررسی گروه‌ها از نظر صفات اندازه‌گیری شده نشان داد که لاین‌های ۲، ۱۷، ۸۳ و ۱۴۰ که در کنار رقم سپیدرود در گروه اول دسته‌بندی شدند، از نظر عملکرد و اجزای آن و لاین‌های گروه سوم که شامل ۷۱ لاین بودند، از نظر ابعاد و کیفیت ظاهری دانه ارزش‌های بالاتری داشتند. بر اساس نتایج تجزیه به عامل‌ها نیز سه عامل مستقل تحت عنوان عملکرد و اجزای آن، کیفیت ظاهری دانه و ویژگی‌های فنولوژیک شناسایی شدند که در حدود ۹۶ درصد از تنوع کل داده‌ها را در جمعیت مورد مطالعه توجیه کردند. بررسی پراکنش لاین‌ها بر مبنای دو عامل مستقل اول و دوم، لاین‌های برنج را به چهار گروه تفکیک کرد و لاین‌های موجود در ناحیه اول که شامل رقم سپیدرود و ۳۳ لاین از جمله لاین‌های ۲، ۱۷، ۸۳ و ۱۴۰ بودند، لاین‌های ارزشمند همزمان بر اساس صفات عملکرد، اجزای عملکرد و ابعاد یا کیفیت ظاهری دانه‌ها بودند. بنابراین، این چهار لاین به‌عنوان لاین‌های برتر و امیدبخش تحقیق حاضر، شناسایی و جهت مطالعات بعدی معرفی رقم قابل توصیه هستند. میانگین صفات مورد مطالعه در این لاین‌ها در جدول ۶ ارایه شده است.

جدول ۶- میانگین صفات مهم گیاهی در لاین‌های برتر خویش‌آمیخته نوترکیب برنج

Table 6. Mean of important plant traits in superior rice recombinant lines

	Plant trait صفات گیاهی									
شماره لاین No. line	پنجه در بوته No. tiller.plant^{-1}	طول خوشه Panicle length (cm)	دانه پر در خوشه No. filled grain.panicle^{-1}	دانه پوک در خوشه No. unfilled grain.panicle^{-1}	تعداد کل دانه در خوشه No. spiklet.panicle^{-1}	باروری خوشه Panicle fertility (%)	وزن هزار دانه 1000 grain weight (g)	ارتفاع بوته Plant height (cm)	روز تا رسیدگی Days to maturity	عملکرد دانه Grain yield (kg.ha^{-1})
2	33.20	29.59	97.40	7.73	105.13	92.65	26.66	121.13	93.00	6517
17	28.13	29.55	151.27	21.89	173.16	87.34	18.83	109.07	90.33	5788
83	31.17	30.03	100.20	25.35	125.55	79.21	25.73	138.93	86.33	5964
140	28.20	31.63	112.53	22.27	134.80	82.86	24.49	132.53	94.33	5690

سپاسگزاری

این تحقیق با استفاده از اعتبار پژوهشی (گرانت) سال ۱۳۹۸ نگارنده مسئول مکاتبات اجرا شده است. بدینوسیله از معاونت محترم پژوهشی و فناوری دانشگاه گیلان جهت فراهم کردن اعتبار اجرای این تحقیق قدردانی می‌شود.

منابع مورد استفاده

References

Allahgholipour, M., Farshadfar, E. and Rabiei, B. 2014. Morphological and physico-chemical diversity in different rice cultivars by factor and cluster analysis. *Cereal Research*, 4(4), pp.293-307. [In Persian].

Danesh Gilvaei, M., Samizadeh Lahiji, H. and Rabiei, B. 2016. Relationship between grain yield and its components and grouping of rice (*Oryza sativa* L.) recombinant inbred lines. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 18, pp.257-272. [In Persian].

Danesh Gilvaei, M., Samizadeh Lahiji, H. and Rabiei, B. 2017. Grouping of rice (*Oryza sativa* L.) lines based on multivariate analysis under drought stress conditions. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 48(4), pp.1027-1039. [In Persian]. http://doi.org/10.22059/ijfcs.2017.217039.654188

De, R.N., Reddy, J.N., Rao, A. V. and Mohanty, K. 1992. Genetic divergence in early rice under two situations. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 52(3), pp.225-229.

FAOSTAT. 2018. World Agriculture Data, http://apps.fao.org/faostat/

Ghorbani, H. R., Samizadeh Lahiji, H., Rabiei, B. and Allahgholipour, M. 2011. Grouping different rice genotypes using factor and cluster analyses. *Journal of Agricultural Science and Sustainable Production*, 21(3), pp.89-111. [In Persian].

Goli, A., Jorjani, I., Sabouri, H. and Fallahi, H. A. 2016. Assessment of genetic diversity of facultative wheat genotypes belong to north of Iran using ISSR markers. *Journal of Crop Breeding*, 8(20), pp.165 -174. [In Persian].

Jobson, J. D. 2012. Applied Multivariate Data Analysis: volume II: Categorical and Multivariate Methods. Springer Science and Business Media. http://doi.org/10.1007/978-1-4612-0921-8

Jokarfard, V. and Rabiei, B. 2020. Selecting superior and high yielding recombinant inbred lines of an F_{11} rice population using index selection method. *Cereal Research*, 10(1), pp.19-32. [In Persian]. http://doi.org/10.22124/cr.2020.15705.1568

Kaab Omeyr, A., Pour-Mohammadi, P., Gilani, A., Alami-Saeid, Kh. and Fakhari, M. 2022. Investigation of genetic diversity and classification of aerobic and local rice genotypes in Khuzestan province. *Plant Genetic Researches*, 8(2), pp.103-116. [In Persian]. http://doi.org/10.52547/pgr.8.2.8

Khadem Hosseini, Z. and Rabiei, B. 2021. Investigating the relationships between grain yield and quality related traits in some promising lines of rice (*Oryza sativa* L.). *Cereal Research*, 11(2), pp.105-119. [In Persian]. http://doi.org/10.22124/cr.2021.20707.1692

Leilah, A. A. and Al-Khateeb, S. A. 2005. Statistical analysis of wheat yield under drought conditions. *Journal of Arid Environments*, 61(3), pp.483-496. http://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2004.10.011

Majidimehr, A. 2018. Study of quantitative characteristics correlated with grain yield in rice using multivariate analysis. *Journal of Crop Breeding*, 10(27), pp.143-151. [In Persian]. http://doi.org/10.29252/jcb.10.27.143

Moghaddam, M., Mohammadi, S. A. and Aghaee Sarbarzeh M. 2009. Multivariate Statistical Methods: A primer (2nd Ed.) Parivar Publication, Tabriz, Iran. [In Persian].

Pishnamazzadeh Emami, M., Ebadi, A. A., Moheb-Alipour, N., Nourafcan, H and Ajali, J. 2020. Grouping rice recombinant inbred lines using cluster and principal component analysis methods. *Cereal Research*, 10(1), pp.1-17. [In Persian]. http://doi.org/10.22124/cr.2020.16522.1602

Rabiei, B. and Mohit, A. 2013. Analysis of Experimental Designs in Agricultural Research. University of Guilan Press. [In Persian].

Romesburg, C. 2004. Cluster Analysis for Researchers. Lulu Press. North Carolina. 334 p.

SAS. 2004. SAS software Ver. 9.2. Statistical Analysis System. SAS Institute INC, Cary, NC.

SPSS. 2018. IBM SPSS Statistics Ver. 26. Statistical Package for the Social Sciences. www.ibm.com/products/spss-statistics.

SES. 2005. Standard Evaluation System for Rice. International Rice Research Institute (IRRI), Los Banos, Philippines.

Valizadeh, M. and Moghaddam, M. 2014. Introduction to Quantitative Genetics. (5th Ed). University Press Center. [In Persian].

Zare Chahouki, M. A. 2010. Multivariate Analysis Methods in SPSS. University of Tehran. [In Persian].

Assessment of genetic variation among F_{11} generation recombinant inbred lines and identification of rice (*Oryza sativa* L.) promising lines

Jokar-fard. V.[1], B. Rabiei[2] and E. Souri-laki[3]

ABSTRACT

Jokar-fard. V., B. Rabiei and E. Souri-laki. 2023. Assesment of genetic variation among F_{11} generation recombinant inbred lines and identification of rice (*Oryza sativa* L.) promising lines**. Iranian Journal of Crop Sciences. 25(1): 55-70. (In Persian).**

Rice is one of the important and staple food crops in Iran, and its grain yield improvement has always been the most important objective in rice breeding programs. One of the important breeding methods in rice is crossing between selected varieties to develop recombinant inbred lines (RILs), and then identifying promising lines. This experiment was carried out with the aim of identifying high-yielding superior lines. One hundred forty one recombinant inbrd lines together with their parental cultivars were evaluated using randomized complete block design with three replications in research field of faculty of agricultural sciences, University of Guilan, Rasht, Iran, in 2018. Important agronomic traits were measured and recorded for all RILs. Analysis of variance showed that there was significant differences among RILs for all studied traits, indicating significant genetic variation among them. Estimated coefficients of phenotypic and genetic variations as well as variance components also showed that there was considerable variation among RILs population, particularly for number of filled and unfilled grains panicle^{-1}, number of panicles plant^{-1} and grain yield. The narrow-sense heritability varied from about 20% for panicle length to 43% for grain width, days to maturity, and 1000-grain weight. Factor analysis showed that three main and independent factors explained about 96% of the total observed variance among RILs, and were the main reasons for significant relationships between traits. These three factors were deignated as yield and its components, grain appearance quality and phenological factors. Cluster analysis by UPGMA method classified the 141 studied RILs into three clusters. Cv. Sepidrood and cv. Gharib (parental cultivars) were grouped in the first and second clusters, respectively. Evaluation of the cluster values for different traits showed that the first cluster had the highest values for grain yield and its components and the third cluster for grain dimensions and appearance quality. In conclusion, the results of this experiment showed that there was significant genetic variation among the studied RIls. Therefore, successful improvement of important agronomic traits, particularly grain yield and its components, is feasible. The superior high-yielding lines with desirable appearance quality were also identified.

Key word: Genetic variance, Grain yield, Heritability, Multivariate analysis, Recombinant inbred lines and Rice

---

Received: February, 2023 Accepted: May, 2023

1. Ph D Student, University of Guilan, Rasht, Iran
2. Professor, University of Guilan, Rasht, Iran (Corresponding author) (Email: rabiei@guilan.ac.ir)
3. PhD Graduate, University of Guilan, Rasht, Iran